



ANÁLISIS POR BIO-CÓDIGO DE BARRAS DE *Fraxinus* en la CdMx



Universidad Nacional Autónoma de México

Colegio de Ciencias y Humanidades

Calvo-González Naylobi, López-Ramírez Fátima y Rivera García Diana Samara.

Introducción

En la CdMx se ha reportado una alta tasa de infección por el muérdago en distintos hospederos, en particular al fresno en la zona sur de la ciudad (1) y en el bosque de Chapultepec, escaso en el Parque Tezozómoc y nulo en el CCH Azcapotzalco. Los estudios reportados son descripciones morfológicas y no existen análisis genéticos.

Una de las herramientas para análisis genéticos rápidos es el Biocódigo de barras Genético, éste se basa en una secuencia corta de DNA estandarizada, que, además de ser útiles para clasificar organismos lo son el conocimiento sobre la biodiversidad (2).

El fresno (*Fraxinus sp*) es una especie nativa de México que se ha ubicado en los bosques de Quercos, el de pino-encino, de mesófilos de montaña y bosques de galerías. Dentro de sus características morfológicas se puede mencionar: es un árbol caducifolio, alcanza una altura entre 15 a 20 metros, con un fuste de un metro y con una longevidad de hasta de 80 a 100 años(3).

La incidencia de la infección del fresno por el muérdago localizada en ciertas zonas de la CdMx, nos planteamos si existe una correlación entre el nivel de variabilidad genética en las poblaciones del fresno (CCH, Parque Tezozómoc y Bosque de Chapultepec) a la infección por el muérdago mediante un análisis por Biocódigos de Barras.

Objetivos

Generales

Obtención de bio-código de barras genético para la identificación del fresno en tres sitios en la CdMx.

Identificar por Biocódigos de barras a nivel de especie a los organismos de estudio.

Cuantificar en nivel de variabilidad genética en poblaciones del fresno.

Particular

Obtener DNA del tejido foliar los individuos colectados.

Realizar una amplificación por PCR del gene *rbcl* del cloroplasto.

Comparar las secuencias de *rbcl* con la base de datos genético para determinar la especie a la que pertenecen.

Analizar la diversidad genética intrapoblacional en los grupos poblaciones con el empleo del algoritmo Kimura 2-p.

Identificación de *Fraxinus americana* por medio de Biocódigo de barras(1)

CLAVE INDIVIDUO	NOMBRE CIENTIFICO	Número de pozo PCR	RESULTADO PCR	RESULTADO DE SECUENCIACIÓN
1LECCH	<i>Fraxinus americana</i>	1	δ	X
2LECCH	<i>Fraxinus americana</i>	2	δ	X
3LECCH	<i>Fraxinus americana</i>	3	//	Φ
4LECCH	<i>Fraxinus americana</i>	4	//	Φ
5LECCH	<i>Fraxinus americana</i>	5	δ	X
3LECCH2	<i>Fraxinus americana</i>	6	δ	X
6LECCH2	<i>Fraxinus americana</i>	7	//	X
9LECCH2	<i>Fraxinus americana</i>	8	δ	Φ
12LECCH2	<i>Fraxinus americana</i>	9	δ	X
15LECCH2	<i>Fraxinus americana</i>	10	δ	X
F1TE	<i>Fraxinus americana</i>	11	δ	X
F2TE	<i>Fraxinus americana</i>	12	δ	X
F3TE	<i>Fraxinus americana</i>	13	δ	X
F4TE	<i>Fraxinus americana</i>	14	δ	X
F5TE	<i>Fraxinus americana</i>	15	δ	X
F1CH	<i>Fraxinus americana</i>	16	δ	X
F2CH	<i>Fraxinus americana</i>	17	δ	X
F3CH	<i>Fraxinus americana</i>	18	δ	X
F4CH	<i>Fraxinus americana</i>	19	δ	Φ
F5CH	<i>Fraxinus americana</i>	20	δ	Φ

Tabla(1): Se muestra la clasificación de los individuos según la zona en la que fueron recolectados, junto a el orden de pozo según como se colocaron en el gel.

SIMBOLOGÍA TABLA (1)

- X Se obtuvo secuenciación
- Φ No se obtuvo secuenciación
- // No se obtuvo amplificación
- δ Se obtuvo amplificación

Existe poca variabilidad genética en la población de *Fraxinus americana* del CCH.

<i>Fraxinus americana</i>					
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000				
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000			
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000		
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000

Existe poca variabilidad genética en la población de *Fraxinus americana* en el bosque de Chapultepec

<i>Fraxinus americana</i>		
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0000000000

Hay variabilidad genética en la población de *Fraxinus americana* del parque Tezozómoc

<i>Fraxinus americana</i>			
<i>Fraxinus americana</i>	0.0019002394		
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0019002394	
<i>Fraxinus americana</i>	0.0000000000	0.0019002394	0.0000000000

CONCLUSIONES

- Los organismos del presente estudio son de la especie *Fraxinus americana* esto con el empleo de Biocódigo de barras.
- Con el análisis del Biocódigo de barras, se detectó que no hay una variación genética intrapoblacional en *F. americana* del CCH y del Bosque de Chapultepec.
- En *F. americana* del Parque Tezozómoc se detectó variabilidad genética intrapoblacional.
- Hay que hacer un estudio con mayor número de organismos, para poder aceptar o rechazar la hipótesis.
- Con los análisis obtenidos indican que existe una baja variabilidad genética en la población de Chapultepec. En un estudio con el muérdago se encontró una baja diversidad genética en el hospedero (Balderas-Zúñiga, 2018, comunicación personal)

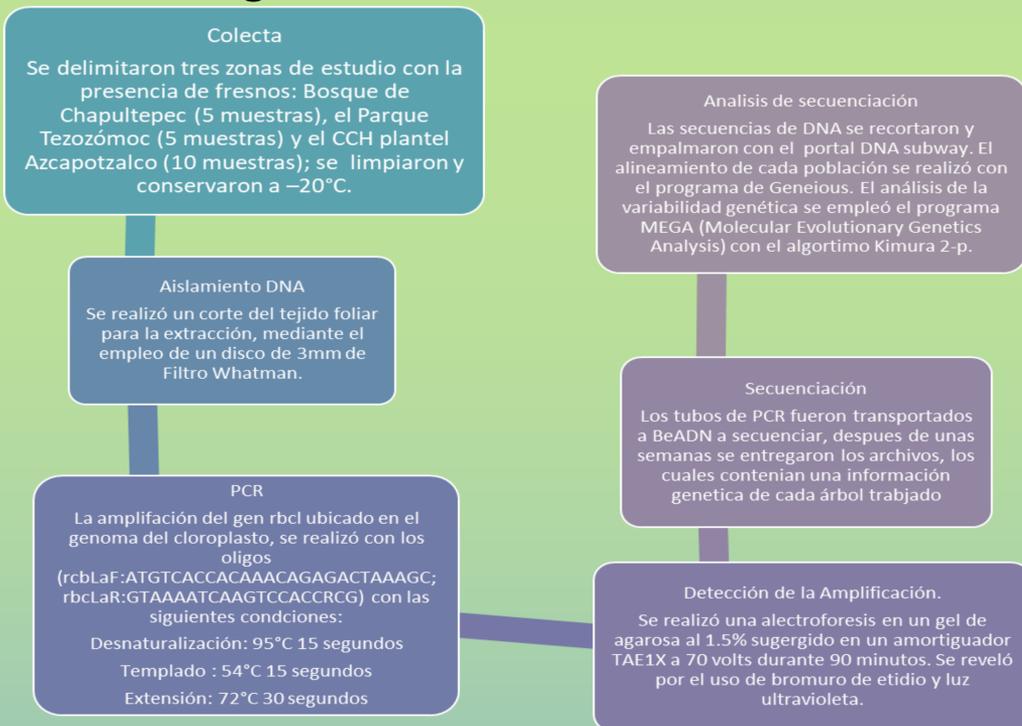
BIBLIOGRAFIA

- Marchal Valencia Diana (2009), *El muérdago en la Ciudad de México*, Arbolama. 2: 10-30
- Kress, W. J.; García Robledo, C.; Uriarte, M y Erickson, D. L. (2015). *DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation*. Trends in Ecology & Evolution. Vol. 30 N° 1.
- Tahir, H. M.; Mehwish; Kanwal, N; Butt, A; Khan, S. Y. y Yaqub, A. (2016). *Genetic diversity in cytochrome c oxidase I gene of Anopheles mosquitoes*. Mitochondrial DNA. 4298-4300



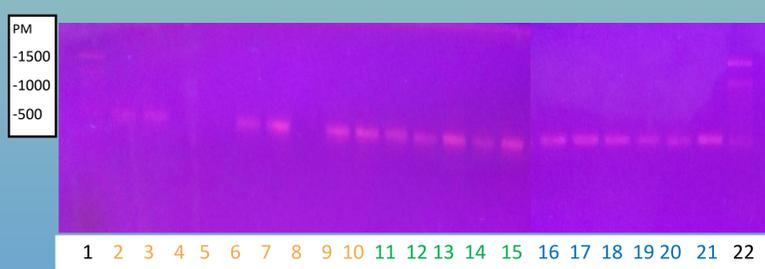
Individuo población Chapultepec

Metodología



Resultados

La amplificación del gen *rbcl* del cloroplasto de *Fraxinus americana*



(1.1) . Las muestras se corrieron en el orden de la tabla de la fig(1). En el gel es posible observar que las muestras : 3LECCH, 4LECCH y 6LECCH2 no fueron amplificadas

